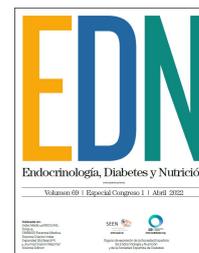




Endocrinología, Diabetes y Nutrición



P-112 - RELACIÓN ENTRE LA COMPOSICIÓN DE LA MICROBIOTA INTESTINAL, EL METABOLISMO HIDROCARBONADO Y EL TRATAMIENTO CON AGONISTAS DE GLP-1 EN SUJETOS CON OBESIDAD

D. Sanchis Pascual, J. Caudet Esteban, M. Trelis Villanueva, M. Rubio Almanza, R. Cámara Gómez y J.F. Merino Torres

Hospital Universitario y Politécnico La Fe, Valencia.

Resumen

Objetivos: La relación entre la composición de la microbiota intestinal humana y el desarrollo de enfermedades metabólicas, como la obesidad y la diabetes mellitus (DM), es todavía muy desconocida. Poco se sabe de la repercusión de los tratamientos farmacológicos en su modulación. Los objetivos de este trabajo consisten en describir la composición de la microbiota intestinal en sujetos con obesidad grave y establecer si existen diferencias en función del estado del metabolismo hidrocarbonado (MHC) y del tratamiento hipoglucemiante recibido.

Material y métodos: Se realizó un análisis metagenómico sobre muestras fecales de sujetos con obesidad grado II y III para conocer la composición de la microbiota intestinal. Este análisis fue realizado por el Servicio de Secuenciación y Bioinformática de la Fundación FISABIO de Valencia, según su propio protocolo. El análisis estadístico fue realizado con el *software Statistical Package for the Social Sciences* versión 22. Se comparó la abundancia relativa (AR) de los diferentes grupos taxonómicos en función del MHC mediante la prueba no paramétrica de los rangos de Wilcoxon. La significación estadística se alcanzó cuando $p < 0,05$ para un intervalo de confianza del 95%.

Resultados: Se obtuvieron muestras fecales de 56 sujetos con obesidad (64% mujeres), con una edad media de $48,1 \pm 9,8$ años y un índice de masa corporal medio de $45,6 \pm 6,6$ kg/m². En relación con el MHC, 22 individuos no presentaron alteraciones, mientras que 15 sujetos tuvieron prediabetes y 19 diabetes mellitus. En cuanto a la composición de la microbiota en función del MHC, no se observaron diferencias en la alfa diversidad valorada por los índices de Shannon y Chao1. En el análisis taxonómico, no hubo diferencias significativas en la AR de los filos *Firmicutes*, *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Verrucomicrobia* ni *Actinobacteria*. A nivel de género, aquellos sin alteración en el MHC presentaron mayor AR de *Faecalibacterium* ($p = 0,032$) y *Clostridium* ($p = 0,026$) y menor de *Escherichia* ($p = 0,038$), sin encontrar diferencias en la de *Akkermansia*. De entre los sujetos diabéticos, 15 recibieron tratamiento con agonistas del receptor de GLP1 (AR-GLP1): comparándolos con el resto de participantes, estos tuvieron una mayor proporción del filo *Proteobacteria* ($p = 0,044$), mayor AR de *Escherichia* ($p = 0,002$) y de *Parabacteroides* ($p = 0,034$) y menor AR de *Clostridium* ($p = 0,007$). En el subgrupo de pacientes diabéticos, aquellos que recibieron tratamiento con AR-GLP1 respecto a los tratados con otras terapias presentaron mayor AR de *Bacteroides* spp. ($p = 0,027$) y menor de *Prevotella* spp. ($p = 0,009$).

Conclusiones: En este estudio realizado sobre individuos con obesidad grado II y III, se identificaron diferencias significativas en la AR de los géneros *Prevotella*, *Bacteroides*, *Faecalibacterium*, *Clostridium* y *Escherichia* en relación con el MHC y el uso de AR-GLP1. Son necesarios más estudios para determinar si existe una relación fisiopatológica entre estos fenómenos.